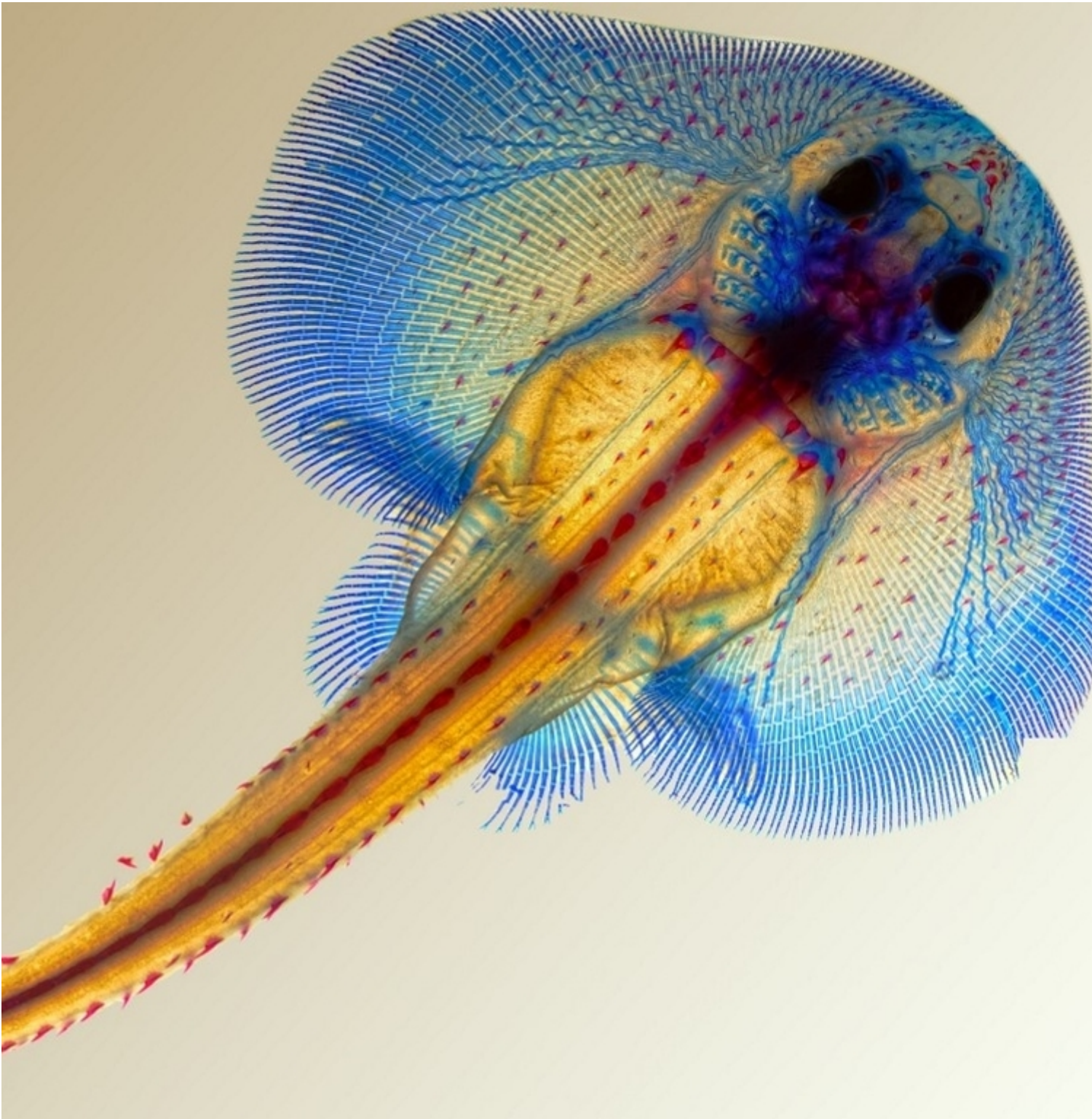


[Inicio](#) > Un estudio con participación del BSC y del IRB Barcelona describe cómo evolucionaron las rayas para desarrollar aletas en forma de alas

[Un estudio con participación del BSC y del IRB Barcelona describe cómo evolucionaron las rayas para desarrollar aletas en forma de alas](#)

La investigación, liderada por el Centro Andaluz de Biología del Desarrollo del CSIC y publicada en la revista *Nature*, confirma que estos peces son organismos muy relevantes para comprender la evolución de los rasgos que nos hicieron humanos, como las extremidades.



Científicos del Barcelona Supercomputing Center – Centro Nacional de Supercomputación (BSC-CNS) y del IRB Barcelona han participado en un estudio liderado por el Centro Andaluz de Biología del Desarrollo (CABD), perteneciente al Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), que ha descubierto cómo evolucionaron las aletas de la raya tras estudiar su ADN. El trabajo confirma que la clave en el desarrollo de su característica forma de ala no radica en las regiones codificantes de su genoma, llamadas genes, sino en las porciones no codificantes y los complejos tridimensionales (3D) en los que estas se pliegan, denominadas "dominios topológicamente asociados" (TAD).

Hasta ahora, el estudio de la evolución del genoma se centraba en las regiones codificantes pero esta nueva investigación, en la que también han participado grupos de Alemania, Estados Unidos y Reino Unido, ha descrito en la revista *Nature* que los cambios genómicos que alteran los TAD pueden ser un motor de evolución. El estudio, por tanto, abre la puerta a una nueva manera de entender cómo evolucionan los

genomas estructural y funcionalmente para promover la aparición de nuevos rasgos.

Las rayas son uno de nuestros parientes vertebrados más lejanos, pertenecientes a un linaje de peces cartilaginosos que también incluye a los tiburones. Estos primos lejanos son unos organismos muy relevantes para comprender la evolución de los rasgos que nos hicieron humanos, como las extremidades. Los experimentos, llevados a cabo con un tipo de raya cuyo nombre científico es *Leucoraja erinacea*, permiten comparar las características de estos peces con las de otras especies para determinar qué es novedoso y qué es ancestral durante la evolución.

Este nuevo estudio, en el que ha participado Toni Gabaldón, investigador ICREA y líder del grupo de Genómica Comparativa que comparten el BSC y el IRB Barcelona, sugiere que la estructura tridimensional del genoma estaría involucrada también en la evolución de otros rasgos interesantes en ciertas especies que observamos en la naturaleza. Al combinar el estudio de la expresión génica, la regulación y la organización 3D, el campo de la genómica evolutiva avanza hacia una nueva era de descubrimiento.

“Nuestro papel ha consistido en observar la evolución del genoma y detectar los genes de este tipo de raya que son equivalentes a los de otros vertebrados. Para ello hemos utilizado bases de datos de organismos secuenciados que nos han permitido reconstruir la historia evolutiva de todos los genes del genoma, un proceso computacionalmente intenso que gracias al supercomputador MareNostrum podemos realizar de manera rápida y eficiente”, asegura Gabaldón.

Referencia: Ferdinand Marletaz, Elisa de la Calle-Mustienes, Rafael D. Acemel, Christina Paliou et al. (2023): “The little skate genome and the evolutionary emergence of wing-like fin appendages.” Nature, DOI: 10.1038/s41586-023-05868-1

Barcelona Supercomputing Center - Centro Nacional de Supercomputación

Source URL (retrieved on 16 Jul 2024 - 14:40): <https://www.bsc.es/es/noticias/noticias-del-bsc/un-estudio-con-participaci%C3%B3n-del-bsc-y-del-irb-barcelona-describe-c%C3%B3mo-evolucionaron-las-rayas-para>